

Gennemførligheden af proteinforudsigelse til vinterhvede og vårbyg baseret på satellitdata

BAGGRUND

I efteråret 2020 anvendte Mats Söderström, SLU og Thomas Börjesson, Agroväst danske data fra 2017-2019 leveret af SEGES til at udvikle en proteinprognosemodel baseret på satellitdata. Datasættet bestod af proteinindholdet fra mange forsøg fra 2017-2020 i det såkaldte referenceled i forsøget, som antages at være tæt på landmandspraksis. I nogle tilfælde var der flere forsøg i det samme mark, og derfor var forskellige referenceproteinprocenter tilgængelige. I disse tilfælde blev den gennemsnitlige proteinprocent for de forskellige forsøg beregnet og brugt i modelleringen.

Proteinindholdet blev forsøgt forklaret ud fra satellitbilleder fra den mark, hvor forsøget var placeret. Næsten alle satellitbilleder var udelukkende fra Sentinel 2-billeder, se tabel 1). Tabel 1 viser de originale bølgelængdebånd fra Sentinel 2-satellitter, der blev brugt i undersøgelsen. Sammen med disse bølgelængdedata blev NDRE- og NDVI data og alle andre NDVI-type kvotienter (wavelength A – wavelength B/wavelength A + wavelength B) brugt.

Tabel 1. Wavelength bands fra Sentinel 2-satellitter anvendt i undersøgelsen.

Band number	Spectral area	Central Wavelengths	Band width (nm)	Resolution (m)
2	Blue	492.4 nm (S2A), 492.1 nm (S2B)	66	10
3	Green	559.8 nm (S2A), 559.0 nm (S2B)	36	10
4	Red	664.6 nm (S2A), 665.0 nm (S2B)	31	10
5	Vegetation Red edge	704.1 nm (S2A), 703.8 nm (S2B)	15 (S2A), 16 (S2B)	20
6	Vegetation Red edge	740.5 nm (S2A), 739.1 nm (S2B)	15	20
7	Vegetation Red edge	782.8 nm (S2A), 779.7 nm (S2B)	20	20
8	NIR	832.8 nm (S2A), 833.0 nm (S2B)	106	10
8a	Narrow NIR	864.7 nm (S2A), 864.0 nm (S2B)	21 (S2A), 22 (S2B)	20
11	SWIR	1613.7 nm (S2A), 1610.4 nm (S2B)	91 (S2A), 94 (S2B)	20
12	SWIR	2202.4 nm (S2A), 2185.7 nm (S2B)	175 (S2A), 185 (S2B)	20

Resultater

Selvom der blev leveret data fra 2016, passede de ikke ind i modellerne (muligvis fordi dataene er fra 'S2-L1C' sammenlignet med de andre år fra 'S2-L2A'). Udbyttedata blev også leveret og evalueret som en inputvariabel, men bidrog ikke signifikant til at forbedre modellen. Samlet set viste de fuldt krydsvaliderede modeller, hvor én mark ad gangen blev brugt til validering, kun tilfredsstillende gode med data fra Syddanmark

(Sønderjylland, Lolland, Fyn og Sjælland) fra år 2017-2019. Modellerne til forudsigelse af proteinindholdet var mere præcise, hvis forskellige regioner blev holdt adskilt. Mean Absolute Error (den gennemsnitlige afvigelse) for proteinforudsigelserne for vinterhvede var 0,6%, og den Mean Absolute Error, der blev opnået i vårbyg, var 0,76%.

Satellitdata fra stadie DC 69 var generelt det mest værdifulde udviklingsstadium, selvom satellitdata fra DC 32 også blev brugt. Det var svært at konstruere præcise modeller for store regioner, hvilket kunne skyldes, at satellitdataene havde større variation i forhold til, når data fra et mindre område bruges.

Konklusion

De bedste proteinforudsigelser for vinterhvede og vårbyg blev lavet ved hjælp af satellitbilleder fra stadie DC 69 data fra marker i Syddanmark. I de fleste tilfælde var det muligt at konstruere modeller med en Mean Absolute Error mellem forudsagt og målt proteinindhold (0,76% i vårbyg og 0,6% i vinterhvede). Modellerne fungerede dog ikke godt, hvis de omfattede data fra hele landet, eller hvis der kun blev brugt data fra Midt- og Nordjylland. Modellerne klarede sig bedst, når en mark ad gangen blev brugt til validering, med data fra Syddanmark.

I 2021 arbejder SEGES videre sammen med Sveriges Landbrugs Universitet og Agroväst for at teste modellerne ved hjælp af flere vårbyg- og vinterhvededata fra 2020 og 2021. Dataene for de komplette krydsvalideringsmodeller vil fortsat blive adskilt baseret på regioner på grund af modellernes dårlige forklaringsevne bortset fra andre regioner end Syddanmark.

Den originale rapport fra SLU og Agroväst kan ses i nedenstående link:

[Protein Prediction Report from SLU and Agroväst.pdf](#)

STØTTET AF

Promilleafgiftsfonden for landbrug